

Validación de redes genéticas

LENGUAJE: R

Autor:

Óscar Gómez González

Tutor:

Francisco A. Gómez Vela

Índice

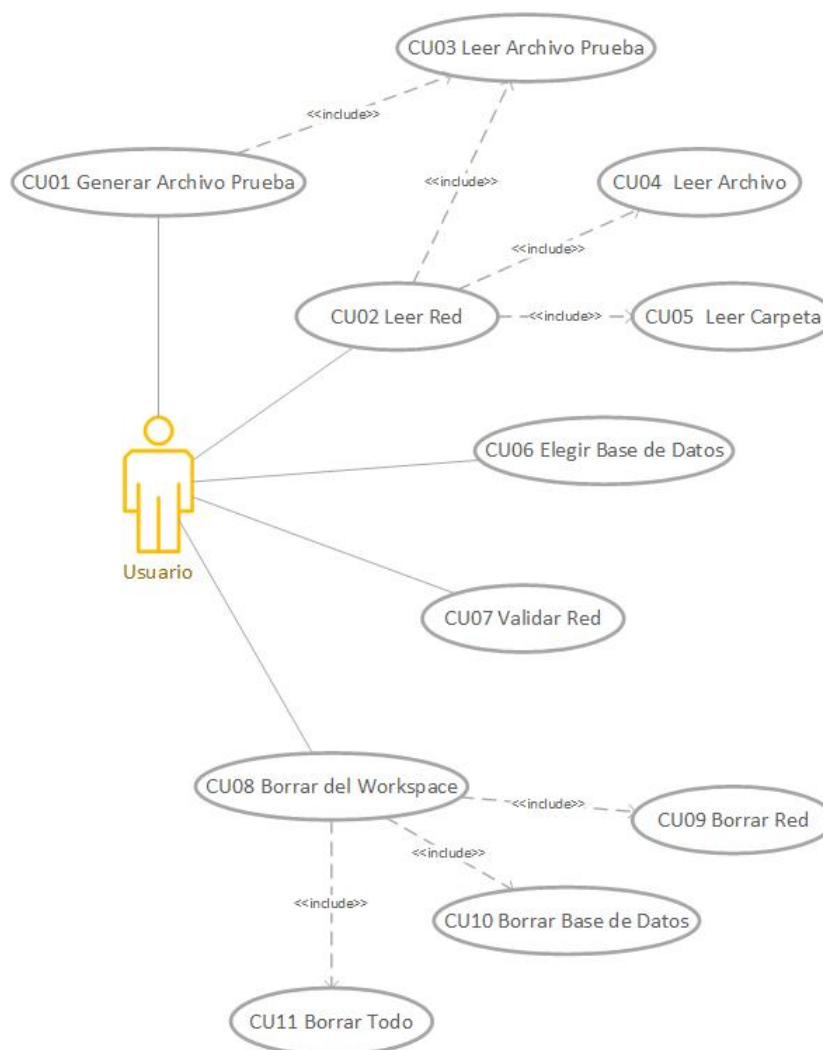
1. Introducción.	3
2. Requisitos.	3
2.1. Diagrama de casos de uso.	3
2.2. Restricciones funcionales.	3
3. Manual de usuario.	4

1. Introducción.

La librería `validacionRedesGeneticas` es un programa escrito en R para la validación de redes genéticas.

2. Requisitos.

2.1. Diagrama de casos de uso.



2.2. Restricciones funcionales.

Se aplican las siguientes restricciones:

- Borrado de información: Para no provocar que usuarios con poca experiencia borren todos los datos, como, por ejemplo, que se borren todas las bases de datos. El borrado de redes y de bases de datos es exclusivamente de la parte del Workspace de la librería, los datos que se cargan. Si un usuario desea eliminar alguno tendrá que navegar hasta los mismos y modificarlos con otra herramienta.
- Modificación de información: No se permitirá modificar las bases de datos o las redes. Si un usuario desea cambiar estos valores tendrá que navegar hasta los mismos y modificarlos con otra herramienta.
- No se contempla la creación de bases de datos. Estos obtendrán sus bases de datos predeterminadas, si algún usuario quiere tener nuevas bases de datos deberá colocarlas el mismo.

3. Manual de usuario.

Tras abrir la librería y acceder al menú principal por primera vez, nos encontraremos con lo siguiente:

```
> library(validacionRedesGeneticas)
> validacionRedesGeneticas::menuMain()
[1] "*****"
[1] "*          *** MENU PRINCIPAL ***          *"
[1] "*          1) generar datos de prueba          *"
[1] "*          2) lectura de red                    *"
[1] "*          3) seleccionar BD                    *"
[1] "*          4) validacion de red genetica        *"
[1] "*          5) borrar red actual                 *"
[1] "*          6) borrar BD (deseleccionar)        *"
[1] "*          7) borrar todo                      *"
[1] "*          8) salir                            *"
[1] "*          *                                  *"
[1] "*          *                                  *"
[1] "*          *                                  *"
[1] "*****"
Indica la opcion : |
```

Si escogemos la opción "1" podemos crear redes de genes, de prueba. Podremos meter elemento a elemento en una tabla que se crea por defecto con tres columnas, GenA, GenB y peso. Para finalizar metemos ext. El sistema se dará cuenta si dejamos un gen solo o ponemos dos genes sin peso. Después de generarlo lo lee y nos devuelve al menú principal con la nueva red:

```

Indica la opcion : 1
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"      Introduzca los genes y pesos para la red de prueba
[1] "*"      (ext para parar)
[1] "*"
[1] "*****"
Indica genA : gen1
Indica genB : gen2
Indica peso : 15,64
Indica genA : gen2
Indica genB : gen3
Indica peso : 5,56
Indica genA : ext
[1] "La nueva red se llama prueba4.txt"
[1] "*****"
[1] "*"      *** MENU PRINCIPAL ***
[1] "*"      1) generar datos de prueba
[1] "*"      2) lectura de red
[1] "*"      3) seleccionar BD
[1] "*"      4) validacion de red genetica
[1] "*"      5) borrar red actual
[1] "*"      6) borrar BD (deseleccionar)
[1] "*"      7) borrar todo
[1] "*"      8) salir
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opcion "2", entraremos en el submenu de lectura. Este menu trata sobre como leeremos la red de genes. Tenemos tres modos, una red de prueba, un fichero solo o una carpeta con varios archivos de redes, el sistema se encarga de compactar los archivos para crear una sola red. Al finalizar nos devuelve al menu principal con la nueva red:

```

Indica la opcion : 2
[1] "*****"
[1] "*"      *** MENU lectura ***
[1] "*"      1) lectura de prueba
[1] "*"      2) lectura de archivo
[1] "*"      3) lectura de carpeta
[1] "*"      4) salir
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opcion "1" podemos leer redes de genes, de prueba:


```

Indica la opcion : 1
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "      Introduzca el nombre del archivo completo"
[1] "      (ext para parar)"
[1] "*"
[1] "prueba1.txt" "prueba2.txt" "prueba3.txt" "prueba4.txt"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica el archivo : prueba4.txt
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "      *** MENU PRINCIPAL ***"
[1] "      1) generar datos de prueba"
[1] "      2) lectura de red"
[1] "      3) seleccionar BD"
[1] "      4) validacion de red genetica"
[1] "      5) borrar red actual"
[1] "      6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "      7) borrar todo"
[1] "      8) salir"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opcion "2" podemos leer redes de genes, en un solo archivo:

```

Indica la opcion : 2
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "      Introduzca el nombre del archivo completo"
[1] "      (ext para parar)"
[1] "*"
[1] "archivo1.txt" "archivo2.txt" "archivo3.txt" "archivo4.txt"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica el archivo : archivo1.txt
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "      *** MENU PRINCIPAL ***"
[1] "      1) generar datos de prueba"
[1] "      2) lectura de red"
[1] "      3) seleccionar BD"
[1] "      4) validacion de red genetica"
[1] "      5) borrar red actual"
[1] "      6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "      7) borrar todo"
[1] "      8) salir"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opción "3" podemos leer la combinación de varias redes de genes, contenidos en una misma carpeta:

```
Indica la opción : 3
[1] "*****"
[1] "***** MENU PRINCIPAL *****"
[1] "1) generar datos de prueba"
[1] "2) lectura de red"
[1] "3) seleccionar BD"
[1] "4) validacion de red genetica"
[1] "5) borrar red actual"
[1] "6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "7) borrar todo"
[1] "8) salir"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*****"
Indica la opción : |
```

Si escogemos la opción "4" salimos del submenu de lectura y volvemos al menu principal:

```
Indica la opción : 4
[1] "*****"
[1] "***** MENU PRINCIPAL *****"
[1] "1) generar datos de prueba"
[1] "2) lectura de red"
[1] "3) seleccionar BD"
[1] "4) validacion de red genetica"
[1] "5) borrar red actual"
[1] "6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "7) borrar todo"
[1] "8) salir"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*****"
Indica la opción : |
```

Si escogemos la opción "3"^{el} sistema nos muestra la lista de archivos que pertenecen a nuestras bases de datos. Tendremos que escoger alguna de ellas para que el sistema apunte a esta y nos devuelvan al menu principal:

```

Indica la opcion : 3
[1] "*****"
[1] "***** Lista Bases de Datos *****"
[1] "*****"
[1] "prueba1.txt" "prueba2.txt" "prueba3.txt"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "***** Eliga la Bases de Datos con el nombre completo *****"
[1] "***** (ext para parar) *****"
[1] "*****"
[1] "*****"
Indica la BD : prueba1.txt
[1] "*****"
[1] "***** MENU PRINCIPAL *****"
[1] "*****"
[1] "***** 1) generar datos de prueba *****"
[1] "***** 2) lectura de red *****"
[1] "***** 3) seleccionar BD *****"
[1] "***** 4) validacion de red genetica *****"
[1] "***** 5) borrar red actual *****"
[1] "***** 6) borrar BD (deseleccionar) *****"
[1] "***** 7) borrar todo *****"
[1] "***** 8) salir *****"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opcion "4", el sistema compara la base de datos y la red de genes seleccionados. Muestra los porcentajes de parecido fila a fila y al terminar muestra los datos totales:


```

Indica la opción : 4
[1] "*****"
[1] "El porcentaje total acumulado hasta la fila 1 es de 200%"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "La media de hasta esta fila es de 100%"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "El porcentaje total acumulado hasta la fila 2 es de 400%"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "La media de hasta esta fila es de 100%"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "El porcentaje total acumulado entre las 4 combinaciones es de 400%"
[1] "*****"
[1] "La media de porcentaje es de 100%"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "
    *** MENU PRINCIPAL ***
[1] "1) generar datos de prueba"
[1] "2) lectura de red"
[1] "3) seleccionar BD"
[1] "4) validacion de red genetica"
[1] "5) borrar red actual"
[1] "6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "7) borrar todo"
[1] "8) salir"
[1] "
[1] "
[1] "
[1] "*****"
Indica la opción : |

```

Si escogemos la opción "5" podemos deseleccionar la red de genes a la que apunta el sistema:

```

Indica la opcion : 5
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "Se ha borrado la red."
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "    *** MENU PRINCIPAL ***"
[1] "    1) generar datos de prueba"
[1] "    2) lectura de red"
[1] "    3) seleccionar BD"
[1] "    4) validacion de red genetica"
[1] "    5) borrar red actual"
[1] "    6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "    7) borrar todo"
[1] "    8) salir"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opcion "6" podemos deseleccionar la base de datos a la que apunta el sistema:

```

Indica la opcion : 6
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "Introduzca el nombre de la BD."
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "    *** MENU PRINCIPAL ***"
[1] "    1) generar datos de prueba"
[1] "    2) lectura de red"
[1] "    3) seleccionar BD"
[1] "    4) validacion de red genetica"
[1] "    5) borrar red actual"
[1] "    6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "    7) borrar todo"
[1] "    8) salir"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opcion "7" borraremos todas las variables del workspace de la libreria:

```

Indica la opcion : 7
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "se ha borrado todo el workspace."
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "          *** MENU PRINCIPAL ***"
[1] "*"
[1] "          1) generar datos de prueba"
[1] "*"
[1] "          2) lectura de red"
[1] "*"
[1] "          3) seleccionar BD"
[1] "*"
[1] "          4) validacion de red genetica"
[1] "*"
[1] "          5) borrar red actual"
[1] "*"
[1] "          6) borrar BD (deseleccionar)"
[1] "*"
[1] "          7) borrar todo"
[1] "*"
[1] "          8) salir"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
Indica la opcion : |

```

Si escogemos la opcion "8" se despide el sistema y salimos de el:

```

Indica la opcion : 8
[1] "*****"
[1] "*"
[1] "*"
[1] "que tenga un buen dia."
[1] "*"
[1] "*"
[1] "*****"
> |

```